

Appendix A

		Leader Sequence (amino acids 1-42)	Sortase Cleavage Site ↑
1			
SEQ1	(1)	-M-AEETGGTNTTEAQPKTEAVASPTTISEKAPETKPVANAVSVSNKEVEAPTSETKEAKEV	100
SEQ5	(1)	-M-AEETGGTNTTEAQPKTEAVASPTTISEKAPETKPVANAVSVSNKEVEAPTSETKEAKEV	
SEQ3	(1)	-M-AEETGGTNTTEAQPKTEAVASPTTISEKAPETKPVANAVSVSNKEVEAPTSETKEAKEV	
SEQ4	(1)	-M-AEETGGTNTTEAQPKTEAVASPTTISEKAPETKPVANAVSVSNKEVEAPTSETKEAKEV	
SEQ28	(1)	MGNQQKEFKSFYSIRKSSLGVASVAISTLILMSNGEAQK-AEETGGTNTTEAQPKTEAVASPTTISEKAPETKPVANAVSVSNKEVEAPTSETKEAKEV	
101			
SEQ1	(60)	KEVKAPKETKEVKPAAKATNNNTYPILNQELREAIKNPAIKDKDHSAPNSRPIDFEMKKDDGTQQFYHYASSVKPARNVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFE	200
SEQ5	(61)	KEVKAPKETKEVKPAAKATNNNTYPILNQELREAIKNPAIKDKDHSAPNSRPIDFEMKKDDGTQQFYHYASSVKPARNVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFE	
SEQ3	(60)	KEVKAPKETKEVKPAAKATNNNTYPILNQELREAIKNPAIKDKDHSAPNSRPIDFEMKKDDGTQQFYHYASSVKPARNVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFE	
SEQ4	(61)	KEVKAPKETKEVKPAAKATNNNTYPILNQELREAIKNPAIKDKDHSAPNSRPIDFEMKKDDGTQQFYHYASSVKPARNVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFE	
SEQ28	(101)	KEVKAPKETKEVKPAAKATNNNTYPILNQELREAIKNPAIKDKDHSAPNSRPIDFEMKKDDGTQQFYHYASSVKPARNVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFE	
201			
SEQ1	(160)	VYEGDKKLPIKLVSYDTVKDYAYIRFSVSNGTAKAVKIVSSSTHFNNEKEEKYDYTLMFAQPPIYNSADKFKEEEDYKAEKLLAPYKKAKTTLERQVYELNKIQ	300
SEQ5	(161)	VYEGDKKLPIKLVSYDTVKDYAYIRFSVSNGTAKAVKIVSSSTHFNNEKEEKYDYTLMFAQPPIYNSADKFKEEEDYKAEKLLAPYKKAKTTLERQVYELNKIQ	
SEQ3	(160)	VYEGDKKLPIKLVSYDTVKDYAYIRFSVSNGTAKAVKIVSSSTHFNNEKEEKYDYTLMFAQPPIYNSADKFKEEEDYKAEKLLAPYKKAKTTLERQVYELNKIQ	
SEQ4	(161)	VYEGDKKLPIKLVSYDTVKDYAYIRFSVSNGTAKAVKIVSSSTHFNNEKEEKYDYTLMFAQPPIYNSADKFKEEEDYKAEKLLAPYKKAKTTLERQVYELNKIQ	
SEQ28	(201)	VYEGDKKLPIKLVSYDTVKDYAYIRFSVSNGTAKAVKIVSSSTHFNNEKEEKYDYTLMFAQPPIYNSADKFKEEEDYKAEKLLAPYKKAKTTLERQVYELNKIQ	
301			
SEQ1	(260)	DKLPEKLIKAEYKKKLEDTKKALDEQVKSAITEFQNQOPTNEKMTDLQDTKYVYYYESVENNESMMDTFVHKPIKTGMLNGKKYMMETTNDYWKDFMVEG	400
SEQ5	(261)	DKLPEKLIKAEYKKKLEDTKKALDEQVKSAITEFQNQOPTNEKMTDLQDTKYVYYYESVENNESMMDTFVHKPIKTGMLNGKKYMMETTNDYWKDFMVEG	
SEQ3	(260)	DKLPEKLIKAEYKKKLEDTKKALDEQVKSAITEFQNQOPTNEKMTDLQDTKYVYYYESVENNESMMDTFVHKPIKTGMLNGKKYMMETTNDYWKDFMVEG	
SEQ4	(261)	DKLPEKLIKAEYKKKLEDTKKALDEQVKSAITEFQNQOPTNEKMTDLQDTKYVYYYESVENNESMMDTFVHKPIKTGMLNGKKYMMETTNDYWKDFMVEG	
SEQ28	(301)	DKLPEKLIKAEYKKKLEDTKKALDEQVKSAITEFQNQOPTNEKMTDLQDTKYVYYYESVENNESMMDTFVHKPIKTGMLNGKKYMMETTNDYWKDFMVEG	
401			
SEQ1	(360)	QRVRTISDAKNNTRTIIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDQYHVRIVDKEAFTKANTDKSNKKEQODNSAKKEATPATPSKPTP-----	500
SEQ5	(361)	QRVRTISDAKNNTRTIIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDQYHVRIVDKEAFTKANTDKSNKKEQODNSAKKEATPATPSKPTP-----	
SEQ3	(360)	QRVRTISDAKNNTRTIIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDQYHVRIVDKEAFTKANTDKSNKKEQODNSAKKEATPATPSKPTP-----	
SEQ4	(361)	QRVRTISDAKNNTRTIIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDQYHVRIVDKEAFTKANTDKSNKKEQODNSAKKEATPATPSKPTP-----	
SEQ28	(401)	QRVRTISDAKNNTRTIIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDQYHVRIVDKEAFTKANTDKSNKKEQODNSAKKEATPATPSKPTP-----	
501			
SEQ1	(447)	-----	600
SEQ5	(448)	-----	
SEQ3	(460)	KDDNKQLPSVKEKENDDASSESGKDTPATKPTKGEVESSSSTTPTKVVSTTQNVAKPTTASSKTTKDVVQTSAGSSEAKDSAPLQKANIKNNTNDGHTQSQNN	
SEQ4	(461)	KDDNKQLPSVKEKENDDASSESGKDTPATKPTKGEVESSSSTTPTKVVSTTQNVAKPTTASSKTTKDVVQTSAGSSEAKDSAPLQKANIKNNTNDGHTQSQNN	
SEQ28	(501)	KDDNKQLPSVKEKENDDASSESGKDTPATKPTKGEVESSSSTTPTKVVSTTQNVAKPTTASSKTTKDVVQTSAGSSEAKDSAPLQKANIKNNTNDGHTQSQNN	
601			
SEQ1	(447)	-----	654
SEQ5	(448)	-----	
SEQ3	(560)	KNTQENKAKS-----	
SEQ4	(561)	KNTQENKAKS-----	
SEQ28	(601)	KNTQENKAKS-----	
		GEESNKDMTLPMLALLAASSSIVAFVLPRKRKNLEHHHHH	